

Art Unit: 1652

APPENDIX A

RESULT 1

S39842

enniatin synthetase - fungus (*Fusarium scirpi*)C;Species: *Fusarium scirpi*

C;Date: 31-Dec-1993 #sequence_revision 02-Jun-1994 #text_change 03-Nov-2000

C;Accession: S39842; S35906; S65363

R;Haese, A.

submitted to the EMBL Data Library, November 1992

A;Reference number: S39842

A;Accession: S39842

A;Molecule type: DNA

A;Residues: 1-3131 <HAE>

A;Cross-references: EMBL:Z18755; NID:g2729; PIDN:CAA79245.1; PID:g2730

R;Haese, A.; Schubert, M.; Herrmann, M.; Zocher, R.

Mol. Microbiol. 7, 905-914, 1993

A;Title: Molecular characterization of the enniatin synthetase gene encoding a multifunctional enzyme catalysing N-methyldepsipeptide formation in *Fusarium scirpi*.

A;Reference number: S35906; MUID:93247491; PMID:8483420

A;Accession: S35906

A;Status: nucleic acid sequence not shown

A;Molecule type: DNA

A;Residues: 499-1074;1572-1988;2423-2566 <HA2>

A;Cross-references: EMBL:Z18755

A;Experimental source: strain ETH 1536/J5

R;Pieper, R.; Haese, A.; Schroeder, W.; Zocher, R.

Eur. J. Biochem. 230, 119-126, 1995

A;Title: Arrangement of catalytic sites in the multifunctional enzyme enniatin synthetase.

A;Reference number: S65363; MUID:95324513; PMID:7601090

A;Accession: S65363

A;Molecule type: protein

A;Residues: 2029-2048;430-437;1011-1020;1021-1034;1677-1695;2294-2299 <PIE>

A;Experimental source: strain ETH 1536/J5

C;Genetics:

A;Gene: esyn1

C;Superfamily: acetate-CoA ligase homology; acyl carrier protein homology

C;Keywords: carrier protein; multifunctional enzyme; phosphopantetheine; phosphoprotein

F;531-985/Domain: acetate-CoA ligase homology <ACL1>

F;1603-2100/Domain: acetate-CoA ligase homology <ACL2>

F;2507-2574/Domain: acyl carrier protein homology <ACP1>

F;2601-2667/Domain: acyl carrier protein homology <ACP2>

F;1047,2538,2632/Binding site: phosphopantetheine (Ser) (covalent) #status predicted

Query Match 55.2%; Score 9139; DB 2; Length 3131;

Best Local Similarity 55.8%; Pred. No. 0;

Matches 1818; Conservative 490; Mismatches 758; Indels 190; Gaps 37;

```
Qy      8 PTMGVEQQALSLSCPLLPHDDEKHSNLYEQATRHFGLSRDKIENVLPCTSFQCDVIDCA 67
          | : | : | | : | | | : | | : | | | | | | | | | |
Db      6 PSDGQQDPALA-----SKTLCEQISRALGLGQDKIENIFPGTPFQRDVIDCA 52

Qy     68 VDDRRHAIGHVVYDIPNTVDIQLAAAWKEVVRQTPILRTGIFTSETGDSFQIVLKEG-C 126
          | | : | : | | : | | | | | | | | | | | | | | | |
Db     53 ADDKQRAVGHAVF EIPKDI DAARLAAAWKETVLHTPALRTCTFTSKSGDVLQVVL RDSFV 112

Qy    127 LPWMYATCLGMKGAVIQDEAVAAMTGPRCNRVYVLEDPSTKQRLLIWTFSHALVDYTVQE 186
          | | : | : | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db    113 FSWMSGSPVDLKEAVVQDEAAAALAGPRCNRVLEDPDTKERQLIWFTHALVDSTFQE 172

Qy    187 RILQRVLT VY-DGRD-----VECPRIKDTEHVS RFWQQ 218
          | | | : | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db    173 RILRRVLKAYKDANDEHPRQFETPDSSQATPEEDLQPNPSKMLKIPQAADMDRAVEFWKD 232

Qy    219 HFEGLDASVFLLPSHLTVCNPNARAEHHISYTGVPVQRKWSHTSICRAALAVLLSRFTHS 278
          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db    233 HLSGLKCFCLPAFVLSSVYAHFDAEHRISYSSSAQKMQSSATICRTALAILLSRYTHS 292
```

Art Unit: 1652

Qy 279 SEALFGVVTEQSHNSEQRRSIDGPARTVVPPIRVLCAPDQYVSDVIGAITAHEHAMRGFE 338
| | | | : | | | : | | | | | | | | : | | | : | : | |
Db 293 PEALFGIVTEQTPLLEEQ-LMLDGPTRTVVPIRVSCASEQSVSDIMSTIDSQYDQTMRFQA 351
Qy 339 HAGLRNIRRTGDDGSAACGFQTVLLVTDGDAPKTPGSVL----HRSVEESDRFMPCANRA 394
| | | | | | | | : | | | | : | | | | | | : | | : | : | | | |
Db 352 HAGLRNIASAGDDESAACGSRPF----SWSQMETPSQHLLGKF SRKTEEPEGFIPCTNRA 407
Qy 395 LLLDCQMAGNSASLVARYDHNVIDPRQMSRFLRQLGYLIQQFHHHVDLPLVKELDVVTAE 454
| | | | : | | | : | | | | : | | | | | | : | : | : | : | |
Db 408 LLLSCQMTSSGAHLTARYDQSIIDAEQMARLLRQLGHLIQNLPLNHRSP-VEKVDMMTQE 466
Qy 455 DCAEIEKWNSERLTMQDALIHDTISKWAAGDPNKAAPFAWDGEWTYAELDNISSRLAVYI 514
| | | | : | | | : | | | : | | | | | | | | | | | | : |
Db 467 DWLEIERWNSDSIDAQDTLIHSEMLKWTSPNKAAPAAWDGEWTYAELDNVSSRLAQHI 526
Qy 515 QSLDLRPGQAILPLCFEKSXWVATILAVLKVGRAFTLIDPCDPSARMAQVCQQT SATVA 574
| : | | | | : | | | | | | : | | | | | | | | | | | |
Db 527 NSIDLKGEHAIVPIYFEKSXWVAVASMLAVLKAGHAFTLIDPSDPPARTAQVVQQT SATVA 586
Qy 575 LTSKLHNTTLRSVVSRCIVVDDDLLRSLPHADGRLKATVKPQDLAYVIFTSGSTGEPKGI 634
| | | | | | : | | | | : | | | | : | | | | | | | | | | | |
Db 587 LTSKLHRETVQSTVGRCI VVDEEFVKSLPQS-SELSASVKAHDLAYVIFTSGSTGIPKGI 645
Qy 635 MIEHRGFVSCAMKFGPALGMDENTRALQFASYAFGACLVEVV TALMHGGCVCIPSDDDR 694
| | | | | | : | | | | : | | | | | | : | | | | : | | | | : | | | |
Db 646 MIEHRSFSSCAIKFGPALGITS DTRALQFGSHAFGACILEIMTTLIHGGCVCIPSDDDR 705
Qy 695 NNVPEFIKRAQVNWVILTFPSYIGTFQPEDVPGLQTLVLVGEPI SASIRDTWASQVRLNA 754
| | | | | | | | | | | | : | | | | | | | | : | | | : | | : | : | | |
Db 706 NNVLEFINRTNVQLGHATPSYMGTFQPEVV PGLKTLVLVGEQMSASVNEVWAPRVQLNG 765
Qy 755 YGQSESTMCSVTEVSPLSLEPNNIGRAVGARSWIIDPEPDLAPICIGELVIESPGI 814
| | | | | : | | : | | | | | | | | | | | | : | | | | | | | |
Db 766 YGQSESSSICCAIKISPGSSEPNNIGHAVGAHSWIVDPEDPNRLAPIGAVGELVIESAGI 825
Qy 815 ARDYIIAPPDPKSPFLLAPPAWYPAGKLSNAKFYKTGDLVRYGPDGTIVCLGRKDSQVK 874
| | | | : | | | : | | | : | | | : | | | | | | | | | | | |
Db 826 ARDYIVAPTQDKSPFIKTAPTWPYAKQLPDGFKIYRTGDLACYASDGSIVCLGRMDSQVK 885
Qy 875 IRGQREISAVEASLRRLPSDIMPVAEAIKRS DSSGSTVLTAFLIGSSKSGDGNHALS 934
| | | | : | | | : | | | : | | | : | | | : | | | | | | : | : | |
Db 886 IRGQRELVGAVETHLRQQMPDDMTIVVEAVKFS DSSSTTVLTAFLIG---AGEKNSH--- 939
Qy 935 AADAVILDHGATNEINAKLQQLPQHSVPSYIHMENLPRTATGKADRKMLRSIASKLLG 994
| | | | | | : | | | : | | | : | | | : | | | | | | | | : | | : | | : |
Db 940 -----ILDQRATREINAKMEQVLPRHSIPAFYISMNNLPQTATGKVDRRKLIMGSKILS 994
Qy 995 ELSQNVTSQPIEKHDAPATGIEVKLKEWFLSLNLPNSQDVGASFFDLGGNSIIAIKMV 1054
: : : | | : : | | : : | | : | | : : | : | : | | | | | |
Db 995 QKTHSTPSQSQAAISSGTDITYTKLESIWITSLDLGPGSANMSATFFEMGGNSIIAIKMV 1054
Qy 1055 NMARSAGIALKVSDIFQNPTLAGLV DVGIRDPAPYNLIPTTAYSGPV-EQSFAQGRWLWFL 1113
| | | | | | | | : | | | | : | | | | | | | | | | | | : | | |
Db 1055 NMARSNGIELKVSDIYQNPTLAGLKAIVIGTSLPYS LIPKVTRQGPVSEQSYAQNRMWFL 1114
Qy 1114 DQIELDALWYLLPYAVRMRGPLHIDALTIALLAIQRRHETLRTTFEEQDGVGVQV VHASP 1173
| | : | | | : | | | | : | | | | | | : | | | | | | | | | | : |
Db 1115 DQLSEGAWSYLIPFAVRMRGPVDVDALTRALLALEQRHETLRTTFENQDGVGVQIIHDRL 1174
Qy 1174 ISDLRIID-VSGDRNSDYLQLLHQEQTTPFILACQAGWRVSLIRLGEDDHILSIVMHHII 1232
: | : | | : | | : | : : | | : : | | : | | | : | | | | | | | |
Db 1175 SKELQVIDALDGEDEG--LKTLYKVETTTFDITSEAGWSSTLIRLGKDDHILSIVMHHII 1232
Qy 1233 SDGWSIDILRRELSNFYSAALRGSDPLSVVSP LPHYRDFS VWQKQVEQETEHERQLEYW 1292
| | | | : | | | | : | | | | | | : | | | | | | | | | | : |
Db 1233 SDGWSIDVLRRELIQLYAAALQKQDPSSALTP LPIQYSDFAVWQKQEAQAAEHERQLQYW 1292

Art Unit: 1652

Qy 1293 VKQLADSSAAEFLTDFPRPNILSGEAGSVPTIEGELYERLQEFCKVEQMTFFAVLLGAF 1352
| | | | | : | | | | : | | : | | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1293 KKQLADSSPAKIPTDFPRPDLLSGDAGVVPVAIDGELYQKLRGFCNKHNSTAFSILLAAF 1352

Qy 1353 RATHYRLTGAEDSIIGTPIANRNRQELENMIGFFVNTQCMRITVDGDDTFESLVRQVRTT 1412
| | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1353 RAAHYRLTAVDDAIGIPIANRNRWELENMIGFFVNTQCMRIAVDETDTFESLVRQVRST 1412

Qy 1413 ATAAFEHQDVPFERVVTALLPRSRDLRNPLAQLTFALHSQQDLGKFELEGLVAEPVSNK 1472
| | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1413 TTAAFAHEDVPFERVVSALQPGHRDLSTPLAQIMFAVHSQKDLGRFELEGIQSEPIASK 1472

Qy 1473 VYTRFDVEFHFLQFQAGRLSGNVAAADLFKPETISNVVAIFFQILRQGIQRPRTPIAVLP 1532
| | | | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1473 AYTRFDVEFHFLQFQADGLKGSCNFATDLFKPETIQNVVSFFQILRHGLDQPETCISVLP 1532

Qy 1533 LTDGLADLRAMGLLEIEKAEPRESSVVDVFRKQVAAPHAFVDSASRLTYADLDRQS 1592
| | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1533 LTDGVEELRRLDLLEIKRTNYPDSSVVDVFREQAAANPEVIAVTDSSSRLTYAELDNKS 1592

Qy 1593 DQLATWLGRNMTAETLVGVLA PRSCQTVVAILGILKANLAYLPLDVNCPTARLQITILST 1652
: | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1593 ELLSRWLRRRNLTPETLVSVLA PRSCETIVAVGILKANLAYLPLDVRSVPVTRMKDILSS 1652

Qy 1653 LNRHKLVLGSNATTPDVQIPDVELVRISDILDRPINGQAKLNGHTKSNNGYKPNGYTHL 1712
: : : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1653 VSGNTIVLMGSGVEDPGFDLPQLELVRI TDTFDETI----- 1688

Qy 1713 KGYSNLNGYSKQNGYAQLNGHRRNNYLDLNGHSLNGNSDITTS-GPSATSLAYVIFTS 1771
| : | | | | | : | | | | |
Db 1689 -----EDVQDSPQSPATSLAYVVFTS 1709

Qy 1772 GSTGKPKGVMVEHRSIIRLAKKNRIISRFPSVAKVAHLSNIAFDAATWEMFAALLNGGTL 1831
| | | | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1710 GSTGKPKGVMIEHRAIVRLVKSDN-FPGFPPSPARMSNVFNPAPDGAWEINWMLLNGGTV 1768

Qy 1832 VCIDYMTLTDLSKTLEAAFAREQINAAALTPALLKQCLANIPTTLGRLSALVIGGDRLDGQ 1891
| | | : | | | | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1769 VCIDYLTTLTGKELAAVFAKERVNAAFAPAMLKLYLVDAREALKNLDFLIVGGERFDTK 1828

Qy 1892 DAIAAHLVGAGVYNAYGPTENGVIISTYINITKNDSFINGVPIGCAISNSGAYITDPDQ 1951
: | : | | : | | | | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1829 EAVEAMPLVRGKIANIYGPTIAGIISTCYNIPKDEAYTNGVPIGGSYNSGAYVMDPNQ 1888

Qy 1952 LVPPGVGMELVVTGDGLARGYTDPALDAGRFVQIMINDKAVRAYRTGDRARYRVGDGQIE 2011
| | | | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1889 LVGLGVGMELVVTGDGVGRGYTNPELNKNRFIDITIEGKTFKAYRTGDRMRARVGDGLLE 1948

Qy 2012 FFGRMDQVKIRGHRIEPAEVERAILDQDSARDAVVIRHQEGEPEMVG FVATHGDHSA 2071
| | | | | | | | : | | | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 1949 FFGRMDNQFKIRGNRIEAGEVESAMLSLKNVLNAAIVVAGAE---KMKGH-SRWS DSSS 2003

Qy 2072 -----EQEERADDQEGWKDF FESNTYADMDT-IGQSAIGNDFGTWTSMYDGSEINKA 2122
: : : | | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | | : | |
Db 2004 RTTRMIPRRRKQATKLRAGMDHFESGMYSDISTAVDQSAIGNDFKGWTSMYDGKDIDKG 2063

Qy 2123 EMQEWLDDTMRLLDGGQAPGHVLEIGTGSGMVLFNLAGLQSYVGLPEPSRSAAFTVTKAI 2182
| | | | | : | | : | | | | | | | | : | | | | | | | | : | | : | |
Db 2064 EMQEWLDDAIHTLHNGQIPRDVLEIGTGSGMILFNLPGLNSYVGLDPSKSAVEFVNRAV 2123

Qy 2183 NSTPALAGKAEVHVGTATDINRLRGLRPDLVVLNSVVQYFPTPEYLLLEVESLVRIPGVK 2242
| : | | | : | | | | : | | : | | | | | | | | | | : | | : | | | |
Db 2124 ESSPKFAGKAKVHVGMATDVNKLGEVHPDLVVFNSVVQYFPTPEYLAVIDGLIAIPSVK 2183

Qy 2243 RVVFGDIRSHATNRHFLAARALHSLG--SKATKDAIRQKMTMEEREELLVDPAFFTAL 2300
| : | | | : | | | | : | | : | | | : | | : | | : | | : | | : | |

Art Unit: 1652

Db	2184	RIFGLDIRSYATNGHFILAARAIHTLGTNNNATKDRVRQKIQELEDREEEFLVEPAFFTTTL	2243
Qy	2301	LQQQLADRIKHVEILPKNMNRATNELSAYRYTAVIHVRGPPEEQSRPVYPIQVNDWIDFQAS : : : : : : : : : : : : :	2360
Db	2244	KE-RRPDVVKHVEIIPKNMKATNELSAYRYTAVVHLR--DETDEPVYHIEKDSWDVEAK	2300
Qy	2361	RIDRRALLRLQLRSADAATVAVSNI PYSKTIVERHVESLDNNNRENTHRAPDGAAWISA :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	2420
Db	2301	QMDKTALLDHLRLSKDAMSVAVSNITYAHTAFERRIVESLDEDSDDKDTGTLDGAAWLSA	2360
Qy	2421	VRKAERCTSLSVTDLVQLGEEAGFRVEVSAARQWSQSGALDAVFHRYNLPTQSNSRVLI : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	2480
Db	2361	VRSEAENRASLTVPDILEIAKEAGFRVEVSAARQWSQSGALDAAFHHF--PPSTDRTLI	2418
Qy	2481	QFPTEDGQTRRSATLTNRPLQRLQSRRFASQIREQLKAVLPSPYIMPSRIVVIDQMPLNAN : : : : : : : : : : : : : : : : :	2540
Db	2419	QFFT-DNELRSSLTLANRPLQKLQRRRAALQVREKLQTLVPSPYMVPNIVVLDTMPLNTN	2477
Qy	2541	GKVDRKELTRRAQIAPKSQAAPAKPVQVD-PFVNLEAILCEEFAEVLGMVEGVNDHFFQ :	2599
Db	2478	GKIDRKELTRRARTLPKQTAAPVP----DFPISDIEITLCEEATEVFGMKVEISDHFFQ	2533
Qy	2600	LGGHSLLATKLVARLSRRLNGRVSVRDVPDQPVISDLAVTLRQGLTLLENAPATPDSGYW :	2659
Db	2534	LGGHSLLATKLISRIQHRLHVRVTVKDVFDSPVFADLAVIRQGLAMQNPNVAEGQDKQGW	2593
Qy	2660	EQTMSAPTTPSSDMEA VLCKEFADVLGVEVSATDSFFDLGGHSLMATKLAARISRRLDVP : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	2719
Db	2594	---SSRVAPRTEVEKM LCEEFAAGLVGPVGITDNFFDLGGHSLMATKLAVRIGRRL---	2646
Qy	2720	VSIKDIFDHS-----VPLNLARKIRLTQAKGHEAT-NGVQIANDAPFQLISVEDPEIF : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	2771
Db	2647	----IRHHSQGHLRLPCA FQLAKKLESSHSKSYEESGDDIQMADYTAFQLLDLED PQDF	2701
Qy	2772	VQREIAPQLQCSPETILDVYPATQMQRVFLNLPVTGKPRSPFPFHIDFPDADCASLMRA : : : : : : : : : : : : : : : : : :	2831
Db	2702	VQSQIRPQLDSCYGTIQDVYPSTQM QKAF LFDPTTGEPGRGLVPFYIDFPSNADAETLTKA	2761
Qy	2832	CASLAKHFDIFRTVFLEARGELYQVVVLKHVDVPIEMQLTEENINSATRSFLDVDAEKPIR : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	2891
Db	2762	IGALVDKLD MFRTVFLEAAGDLYQVVVEHLNLP IETIETEKNVNTATGDYLDVHGKDPVR	2821
Qy	2892	LGQPLIRIAILEKPGSTLRVILRLSHALYDGLSLEHILHLSHLIFFGGSLPPP PKFAGYM : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	2951
Db	2822	LGHPCIQFAIL-KTASSVRVLLRM SHALYDGLSF EYIVRGLHVLYSGRNLPPTQFARYM	2880
Qy	2952	QHVASSRREGYDFWRSVLRDSSMTVIKGNNTTPPPPPQQQSTPSGAHHASKVVITIPTQA : : : : : : : : : : : : : : : : :	3011
Db	2881	QYAAHSREEGYPFWRVQLQNPMTVLHDTNNGM---SEQEMPASKAVHLSEVVNVPAQA	2936
Qy	3012	NTDSRITRATI FTACALMLAKEDNSSDVVFGRTVSGRQGLPLAHQNVIGPCLNQVPVRA : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	3071
Db	2937	IRNSTNTQATVFENTACALVLAKESGSQDVVFGRI VSGRQGLPVVWQDIIGPCTNAV PVHA	2996
Qy	3072	RGLNRGTTHHRELLREM QEYLNSLAFETLGYDEIKAHCTDWDPVPATASFGCCIVYQNF : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	3131
Db	2997	R-VDDG--NPQRIIRD LR DQYLRTL PFESLGFEI KR NCTDWPE--ELTNFSVCV TYHNF	3051
Qy	3132	DShPDSRVEEQRLQIGVLSRNYEAIN EGLVHD LV IAGESEP DGDDL RVTVVANRRLCDEE : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	3191
Db	3052	EYHPESVDNQKVEMGLAKYVELSENEPLYDLA IAGEVEADGVNLKVTVVAKARLYNEA	3111
Qy	3192	RLKRMLEELCGNIRAL 3207 : : : :	
Db	3112	RIRHVLEEVC KTFNGL 3127	